

# ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ, *EUCARPIA 19*

УДК 575(047)

*Домблидес А.С. – кандидат с.-х. наук, зав. сектором ПЦР-диагностики  
Домблидес Е.А. – кандидат с.-х. наук, с.н.с. сектора ПЦР-диагностики  
Харченко В.А. – кандидат с.-х. наук, зав. лабораторией селекции  
и семеноводства зеленных и пряновкусовых овощных культур*

*ГНУ «Всероссийский НИИ селекции и семеноводства  
овощных культур» Россельхозакадемии  
143080, Россия, Московская область, п. ВНИИССОК, тел.+7(495)780-91-78  
E-mail: vniissok@mail.ru; arthurdom@inbox.ru*

*Представлен краткий обзор по последней секции Eucarpia, посвященной генетическим ресурсам растений. Обобщены основные направления изучения генетических ресурсов и возможные пути рационального использования культурных растений.*



С 26 по 29 мая 2009 года в городе Любляна (Словения) проходила международная конференция «19 EUCARPIA CONFERENCE Genetic Resources Section», которая была посвящена изучению, сохранению растительных генетических ресурсов сельскохозяйственных растений и созданию современной базы данных мировых коллекций растений, удобной для селекционеров.

Основным организатором и координатором конференции выступал сельскохозяйственный институт Словении, а именно отдел изучения культурных растений и семян. Dr. Vladimir Meglič вместе с куратором секции генетических ресурсов EUCARPIA Dr. Eva Thorn (Швеция) возглавляли организационный комитет конференции, куда также входили ученые из Австрии, Италии, Словакии, Хорватии, Нидерландов, Испании, Венгрии, Финляндии. Спонсорами конференции были семеноводческие компании и фирмы, производящие биотехнологическое оборудование и препараты защиты растений: APRS, ASO, Semenarna Ljubljana d.d., Syngenta, Bayer, Omega, Chemass, Mediline.



Секция генетических ресурсов EUCARPIA занимается рассмотрением проблем, связанных с использованием и детальным изучением природных и собранных коллекций культурных и диких видов растений.

В конференции приняли участие 118 представителей из 29 стран Европы, а также из Японии и Мексики.

Научная программа конференции была представлена четырьмя секциями:

1. Поиск ценных признаков у растений. В этой секции рассматривали возможности идентификации генов хозяйственно ценных признаков в генетических коллекциях, поиск признаков с использованием современных баз данных и географических информационных системных технологий (GIS technology), информационных ресурсов нового уровня (ALIR) и других биоинформативных инструментов.

2. Рационализация *ex situ* коллекций и разделение ответственностей AEGIS (Объединенная Система Европейских Генбанков) - инструменты и методы для идентификации дубликатов, оценка разнообразия или однородности растительных генетических ресурсов в коллекциях и т.п.

3. Использование коллекций, хранящихся в генбанках (предбридинговая селекция, усиление сотрудничества между селекционерами и генбанками).

4. Растения как источники новых продуктов.

Во время конференции было заслушано 25 устных докладов и обсуждено 131 постерное сообщение.

Была организована экскурсия по экспериментальным полям и теплицам Словенского сельскохозяйственного института, Словенского научно-исследовательского института хмеля и пивоварения, а также посещение сада ароматических и лекарственных растений.

В этом году количество работ по изучению генетических ресурсов овощных растений было выше, чем в предыдущие годы. Появились сообщения о высокотехнологичной переработке овощей, которая позволяет получать продукты для диетического и детского питания. Основные овощные культуры, которые были упомянуты в докладах, были томаты, перец сладкий, баклажан, капуста бело-



Овощной рынок в центре города Любляны – столицы Словении



Испытание различных сортов капусты белокочанной на экспериментальных полях сельскохозяйственного института Словении

чанная, фасоль, бобы, петрушка, салат, артишок, чеснок, свекла, тыквенные культуры.

Из общей направленности конференции можно было заключить, что биологическое разнообразие или генетические ресурсы определяются количеством разновидностей и внутренней изменчивостью растений, зависящей от экологических условий, в которых они произрастают. Генетическая изменчивость может быть определена на уровне отдельных нуклеотидных последовательностей отдельных генов и их комбинаций, пределы которой определяет вид растения. Можно также с уверенностью говорить об изменчивости в экосистемах, определяющей разнообразие населяющих ее видов растений

(например, дикие формы, произрастающие на открытых пространствах). Соответственно, на сегодняшний день генетические ресурсы культурных растений и диких форм поддерживают и сохраняют в их природном или близком к природным условиям произрастания месте – *in situ*; в ином другом случае собираемые растения объединяют в коллекции и сохраняют в специально созданном хранилище или генбанке – *ex situ*. Исходя из мирового опыта, генетические ресурсы растений обычно классифицируют по пяти основным типам:

1. **Дикие формы, сорные растения** – виды, имеющие родственные корни с теми разновидностями, которые успешно прошли окультуривание.
2. **Традиционные культуры** – рас-





**Небольшая оранжерея для выращивания огурцов на экспериментальной базе сельскохозяйственного института Словении**



**Селекция и испытание сортов салата на территории экспериментальных полей сельскохозяйственного института Словении**

тения, которые долгое время культивировали без применения современных селекционных методов. Эти формы растений очень изменчивы в силу того, что были адаптированы к специфическим условиям окружающей среды. Сегодня этот источник изменчивости используют для поиска генов устойчивости для привлечения их в селекционные программы.

**3. Отобранные коллекции** – селекционный материал, который содержит в себе специально отобранные свойства или гены, полученные в результате продуманных скрещиваний и направленной селекционной работы.

**4. Элитные коллекции** включают в себя сорта или культивируемые разновидности полностью подходящие для технического выращивания и для

дальнейшей селекционной работы с целью получения новых сортов.

**5. Маркерные коллекции** растений, содержащие какие-либо хромосомные изменения, которые могут послужить материалом для селекционеров и фундаментальных исследований.

Сегодня в мире насчитывается более 6 миллионов наименований растительных ресурсов, где самая большая группа представлена пшеницей – около 800 000 наименований (А. Vorner и др., 2009). Использование генетических ресурсов проводится знанием о том, что есть в распоряжении селекционера, и что можно потерять при неграмотном использовании растений. Наследственная и последующая успешная селекция – прежде всего, должна опираться на генетические ресур-

сы, которыми мы располагаем и грамотно сохраняем.

На основе научных сообщений, представленных на конференции, можно было определить общую схему, которой необходимо придерживаться при описании и оценке генетических ресурсов растений:

1. Морфологическая оценка, когда учитываются все морфологические признаки, имеющие высокую степень информативности. Сравнивают современное описание растительных образцов с их предыдущими характеристиками, с целью уточнения или добавления информации в так называемый дескриптор. В некоторых институтах или центрах параллельно с официальным дескриптором может быть создан свой внутренний, более подробный.



2. Фенологические наблюдения, охватывающие все особенности развития и роста растения, а также описание мест его произрастания.
3. Кариотипическая характеристика.
4. Оценка устойчивости к болезням и вредителям.
5. Биохимическая оценка, разработка биохимических маркеров и т.д.
6. Молекулярное маркирование, включающее в себя использование маркеров различной природы: белки, ДНК.

Полученная в ходе оценки информация требует последующего детального анализа и сравнения с уже имеющимися базами данных по изучаемой культуре. Такие большие объемы данных требуют применения современных компьютерных технологий для грамотной систематизации полученных результатов. Голландскими учеными было отмечено, что перспектива развития в управлении генетическими ресурсами должна опираться на такие научные области как геномика и информационные технологии (Theo J.L. van Hintum, 2009).

Учеными из Голландии, Германии, Италии и Швеции на конференции был поднят вопрос о необходимости создания единой информационной системы по генетическим ресурсам с целью рационального использования потенциала культурных растений в ближайшем будущем.

В этом году 19 конференция по генетическим ресурсам EUCARPIA включила новую секцию по изучению и поиску ценных признаков у сельскохозяйственных растений. Суммируя всю информацию из докладов, представленных на этой секции, можно определить схему научной работы по идентификации хозяйственно ценных признаков:

1. Выделение ценных форм на основе детальной оценки (морфоло-

гической, биохимической, молекулярной, устойчивости к абиотическим и биотическим факторам) изучаемой коллекции, т.е. поиск генетических источников.

2. Изучение характера наследования того или иного признака у выделенных ценных форм с использованием расщепляющихся популяций и применением ДНК маркеров; картирование интересующих локусов в геноме растения и разработка методов оценки коллекций по необходимому признаку.

Большей частью генетическая природа ценных признаков является сложной и имеет мультилокусный характер наследования. Так в докладе немецких ученых сообщалось, что локусы, отвечающие за устойчивость зерновых растений к накоплению алюминия, как выяснилось, располагаются на разных хромосомах. При молекулярном анализе пшеницы (Borner A., и др. 2009) было также показано, что практически все агрономически важные признаки имеют мультилокусную природу наследования. Непростые законы наследования устойчивости к сосудистому бактериозу у капусты были отмечены учеными из Чехии, которые столкнулись с трудностями выделения устойчивых линий.

Полноразмерное использование генетических ресурсов селекционером осложняется, в первую очередь, технической или методической невооруженностью в точной идентификации изучаемого популяционного материала, во вторую очередь, привычкой использовать уже «проверенный набор» разновидностей, которые всегда более доступны. Современная селекция с ее задачами будет все полнее и полнее опираться на биологическое разнообразие и его неисчерпаемый потенциал.

Растительные генетические ресурсы являются базой для селекционной работы, которая может в будущем быть направлена на поиск новых свойств растений, как например, устойчивости к меняющимся абиотическим и биотическим факторам среды. Можно привести пример по разновидности турецкой пшеницы, которая была собрана и сохранена в 1948 году и не была использована до 1980 года, пока в ней не были обнаружены гены устойчивости к грибным заболеваниям. Сегодня этот генисточник используется в селекционных программах (Adi B. Damania, 2008). Известно, что и дикие сородичи наших культивируемых растений обладают важными и порой неизученными генетическими локусами, позволяющими им противостоять условиям окружающей среды.

В заключение нужно отметить, что использование собранных генетических коллекций, хранящихся в генбанках и поддерживаемых в живом виде, пока очень ограничено в современных исследованиях, или, если сказать точнее, работа ведется, как правило, с такими культурами как зерновые, рис, картофель. Потребность полномасштабного использования генетических ресурсов по многим культурам в мире еще не достигла высокой степени. Главным образом это тормозится тем, что нет пока стандартизированной и адекватной информационной базы.

На сегодняшний день генбанки не настолько вовлечены в научные проекты, как хотелось бы. И в тоже время, нет на земле нации или страны, которая владела бы всеми генетическими ресурсами сразу, поэтому политика по сохранению и поддержанию генетических ресурсов должна быть международной.

## Литература

1. Adi B. Damania History, achievements, and current status of genetic resources conservation. – 2008 Agronomy journal. – Volume 100. – 1.
2. Teo J.L. van Hintum The future of ex-situ plant genetic resources: new technologies, increased collaboration and better use. – 2009. 19th Eucarpia conference, Plant Genetic Resources./Book of Abstract. – Ljubljana, Slovenia, May 26th -29th, 2009.
3. Borner A., Neumann K., Nagel M., Mian Abdur Rehman Arif, Kobiljski B., Lohwasser U. The maintenance and exploration of ex-situ genebank collection – wheat examples. 19th Eucarpia conference, Plant Genetic Resources./Book of Abstract, Ljubljana, Slovenia, May 26th -29th, 2009.